練 習 問 題

用語

問 1

次のa～hの用語に最もよく合致するものを，下の1～8から選びなさい。

a　誘導
b　リプレッサー
c　オペレーター
d　アロステリック作用
e　オペロン
f　カタボライト抑制
g　レポーター遺伝子
h　減衰

1　グルコースは異化代謝オペロンの発現を阻害する。
2　可逆的な立体構造の変化をするタンパク
3　発現をモニターできる遺伝子の制御領域と融合する。
4　特定の分子がタンパク合成を刺激する。
5　リプレッサーが結合する部位
6　転写の途中停止をともなう遺伝子制御
7　1つのmRNAに転写される遺伝子群
8　負の制御因子

17.1

問 2

次の文章は，本章の始めにあるものである。
“…大部分の細菌の遺伝子を制御するのに重要な段階とは，RNAポリメラーゼがDNAにプロモーターのところで結合することである。”この段階で遺伝子発現を制御することが細菌にとって有利なのはなぜか？

問 3

本章のおもな課題は，いくつかの細菌の遺伝子ではしばしば1つのプロモーターから複数の遺伝子が1つの大きな転写産物へと転写されるということである。これらの遺伝子の発現を調節し，同時に転写されるようなあらゆる制御要素をともなった一連の遺伝子を含むDNA領域は，オペロンと呼ばれる。

a　下のⅰ～ⅵの仕組みのうち，mRNAレベルが違うことをオペロンによって説明できるのはどれか？
b　下のⅰ～ⅵの仕組みのうち，同じオペロン中でも遺伝子によってタンパク産物のレベルの違いがあることを説明できるものはどれか？
　i　プロモーターごとにそのDNA配列が異なっているのかもしれない。
　ii　プロモーターにより異なる種類のRNAポリメラーゼが認識するのかもしれない。
　iii　mRNAの二次構造が違っていて，リボヌクレアーゼで分解される割合に影響を及ぼしているのかもしれない。
　iv　1つのオペロン中で，ある遺伝子は他の遺伝子よりもプロモーターから遠く離れている。
　v　1つのオペロン中で，さまざまなオープンリーディングフレームの始まりのところにある翻訳開始配列により翻訳効率が異なるのかもしれない。
　vi　1つのオペロン中で，異なる遺伝子にコードされているタンパクは安定性に違いがあるのかもしれない。

問 4

大腸菌でρ終結タンパクの機能を破壊するあらゆる変異は条件変異である。このことはρ遺伝子について何を語っているのだろうか？

17.2

問 5

オペロンのプロモーターはRNAポリメラーゼが結合して転写を開始する部位である。プロモーター内でいくつかの塩基が変わると，RNAポリメラーゼが結合できない変異部位となる。RNAポリメラーゼの結合を阻むようなプロモーター内の変異は，細胞内にあるプラスミド上の他のオペロンのコピーにもトランスに作用するか，あるいは変異部位のすぐそばに隣接するコピーにのみシスに作用するか？

問 6

あなたは*hupF*，*hupH*，*hupG*の順番で同時に転写される3つの遺伝子を含むオペロンについて研究している。5′末端と3′末端，すべてのオープンリーディングフレーム，翻訳開始部位，終止コドン，転写終結シグナルがこのmRNA内にあるが，これらの機能ももたないかもしれない領域を含めてこのオペロンのmRNAを図示しなさい。

問 7

あなたは*sys*遺伝子のプロモーター配列の上流にある領域のDNAに結合するタンパクを単離した。このタンパクが正の制御因子ならば，次のどちらが正しいか？

a　DNA結合タンパクをコードする遺伝子に活性欠如型変異が生じると，恒常的に発現する。
b　DNA結合タンパクをコードする遺伝子に活性欠如型変異が生じると，発現がわずかになるか，なくなる。

問8

あなたは2つの異なる変異株（*reg1* と *reg2*）を単離した。これらの変異により *emu* オペロン（*emu1* と *emu2*）が恒常的に発現する。片方の変異株はDNA結合部位に欠陥があり，もう片方はその部位に結合するタンパクをコードする遺伝子内に機能を喪失する欠陥がある。

a　DNA結合タンパクは遺伝子発現の正の制御因子か，または負の制御因子か？

b　次のどちらが部位に欠陥をもつ変異株で，どちらが結合タンパクの変異体なのか決めるため，あなたは部分2倍体解析を行うことにした。Emu1とEmu2タンパクレベルを解析できると仮定して，もし *reg2* が制御タンパクをコードしていて *reg1* が制御部位であるなら，2つの株（i とiiに遺伝子型を示す）はどうなるだろうか？

- **i**　$F'\ reg1^-\ reg2^+\ emul^-\ emu2^+/reg1^+\ reg2^+\ emu1^+\ emu2^-$
- **ii**　$F'\ reg1^+\ reg2^-\ emul^-\ emu2^+/reg1^+\ reg2^+\ emu1^+\ emu2^-$

c　もし *reg1* が制御タンパクをコードしていて *reg2* が制御部位であるなら，2つの株（i とii）はどうなるだろうか？

問9

バクテリオファージλは細胞に感染したあと，リプレッサータンパクcIが結合しファージの転写をすぐに停止させれば，細胞の染色体内に組み込まれることができる（染色体にバクテリオファージを組み込んだ株を溶原菌という）。もう1つはたくさんのファージを生産して溶菌することである。溶原菌である供与株を溶原菌である受容株を接合で掛け合わせてもファージは生産されない。しかし，溶原菌である供与株が溶原菌でない受容株にDNAを移すと，受容株は溶菌して新たに生じたファージを放出する。なぜ，溶原菌でない受容株と交配するとファージが増殖して放出されるのに，溶原菌である受容株と接合した場合にはそうはならないのだろうか？

問10

ミスセンス *lacI* 変異の恒常的な表現型が抑圧されるような複数の変異株が単離された。オペロンは誘導可能な状態である。これらの変異はオペロン内に位置するが，*lacI* 遺伝子にはない。これらの変異はどんなものだろうか？

問11

次の *lac* オペロン対立遺伝子をもつ大腸菌の部分2倍体株について，各株がβガラクトシダーゼとパーミアーゼを誘導で発現するか，恒常的に発現するか，発現しないかをそれぞれについて示しなさい。

a　$I^+\ O^+\ Z^-\ Y^+/I^+\ O^c\ Z^+\ Y^+$

b　$I^+\ O^+\ Z^+\ Y^+/I^-\ O^c\ Z^+\ Y^-$

c　$I^+\ O^+\ Z^-\ Y^+/I^-\ O^+\ Z^+\ Y^-$

d　$I^-\ P^-\ O^+\ Z^+\ Y^-/I^+\ P^+\ O^c\ Z^-\ Y^+$

e　$I^s\ O^+\ Z^+\ Y^+/I^-\ O^+\ Z^+\ Y^-$

問12

次の各生育条件で，どのタンパクが *lac* オペロンDNAに結合するか？ ただし，RNAポリメラーゼは含まないものとする。

a　グルコース

b　グルコース ＋ ラクトース

c　ラクトース

問13

次の大腸菌変異株について，これらの条件で生育した場合，βガラクトシダーゼ，パーミアーゼ，アセチル化酵素の濃度の30分間の経時変化を図示しなさい。最初の10分間はラクトースなし，すなわち10分後のラクトースが唯一の炭素源となる。y軸に濃度，x軸に時間をとって図示しなさい。なお，y軸において正確なタンパクのユニット数は気にしなくてよい。

a　$I^-\ P^+\ O^+\ Z^+\ Y^+\ A^+/I^+\ P^+\ O^+\ Z^-\ Y^+\ A^+$

b　$I^-\ P^+\ O^c\ Z^+\ Y^+\ A^-/I^+\ P^+\ O^+\ Z^-\ Y^+\ A^+$

c　$I^s\ P^+\ O^+\ Z^+\ Y^+\ A^+/I^-\ P^+\ O^+\ Z^-\ Y^+\ A^+$

d　$I^-\ P^-\ O^+\ Z^+\ Y^+\ A^+/I^-\ P^+\ O^c\ Z^+\ Y^-\ A^+$

e　$I^-\ P^+\ O^+\ Z^-\ Y^+\ A^+/I^-\ P^-\ O^c\ Z^+\ Y^-\ A^+$

問14

大腸菌がマルトースを利用するとき，3つの異なるオペロンにある遺伝子によってコードされるタンパクを必要とする。1つ目のオペロンは *malE*，*malF*，*malG* を，2つ目は *malK*，*lamB* を，3つ目は *malP*，*lamQ* を含む。MalTタンパクはこれらの3つのオペロンを制御する正の制御因子である。*malT* 遺伝子それ自身の発現はカタボライト感受性である。

a　*malT* 遺伝子の機能が失われる変異が生じると，どのような表現型を示すと考えられるか？

b　3つのマルトースオペロンはCRP（cAMP受容体タンパク）の結合部位をもつと考えられるだろうか？ その理由も示しなさい。

大腸菌に感染するため，バクテリオファージλは細菌の外膜にみられるマルトース輸送タンパクLamB（λ受容体タンパクとしても知られる）に結合する。LamBの合成は上のとおり，MalTタンパクの発現を通して培地中のマルトースにより誘導される。

c　野生型の大腸菌がバクテリオファージλの感染に感受性

を示す培養条件を挙げなさい。

d　バクテリオファージλの感染に耐性をもつ大腸菌が単離された。バクテリオファージλ耐性変異株がもつであろう，マルトースレギュロン内における変異の種類を挙げなさい。

問15

アルギニン生合成にかかわる3つの隣接する遺伝子のDNAが細菌から単離された。もしこの3つの遺伝子が1つのオペロンを形成しているなら，ノーザンブロット解析のプローブとしてこれらの各遺伝子由来のDNAを使ったとき，どのような結果になると考えられるか？ もしこれらの遺伝子がオペロンを形成していなかった場合にはどうなると考えられるか？

問16

次のデータがあるとして，以下の結論にたどりつくのに重要な株と生育条件はどれか。

a　アラビノースが*araBAD*遺伝子群（キナーゼ，イソメラーゼ，エピメラーゼをコードしている）の協調的発現を誘導する。

b　*araC*遺伝子は*araBAD*発現の正の制御因子をコードしている。

遺伝子型	培地中のアラビノース	キナーゼ	イソメラーゼ	エピメラーゼ
1　$C^+ B^+ A^+ D^+$	ない	−	−	−
2　$C^+ B^+ A^+ D^+$	ある	+	+	+
3　$C^- B^+ A^+ D^+$	ない	−	−	−
4　$C^- B^+ A^+ D^+$	ある	−	−	−

問17

7つの大腸菌の変異株が単離された。さまざまな炭素源を含む培地で細胞を培養したとき，変異をそれぞれ1つ，あるいは他の変異と組合せてもつ細胞のβガラクトシダーゼ活性を測定した。

7つの変異はそれぞれ単独であり，次の遺伝子の欠損のうち，1つだけにあてはまると仮定する。各変異が表す変化を見出しなさい。

a　スーパーリプレッサー

b　オペレーター欠損

c　ナンセンス（アンバー）サプレッサーtRNA遺伝子（サプレッサーtRNAはアンバー変異を100%抑圧すると仮定する）

d　CRP–cAMP結合部位の欠陥

e　βガラクトシダーゼのナンセンス（アンバー）変異

f　リプレッサー遺伝子のナンセンス（アンバー）変異

g　*crp*遺伝子（CRPタンパクをコードしている）の欠陥

	グリセロール	ラクトース	ラクトース＋グルコース
野生型	0	1,000	10
変異1	0	10	10
変異2	0	10	10
変異3	0	0	0
変異4	0	0	0
変異5	1,000	1,000	10
変異6	1,000	1,000	10
変異7	0	1,000	10
変異1/変異3由来F′ *lac*	0	1,000	10
変異2/変異3由来F′ *lac*	0	10	10
変異3＋7	0	1,000	10
変異4＋7	0	0	0
変異5＋7	0	1,000	10
変異6＋7	1,000	1,000	10

問18

*crp*遺伝子（正の制御因子CRPをコードしている）に変異がある細胞はLac^-，Mal^-，Gal^-などである。*crp*変異のサプレッサーを見出すため，Lac^+かつMal^+になった細胞のスクリーニングを行った。

a　このスクリーニングは，Lac^+を示す細胞のみのスクリーニングと比較してどのようなサプレッサーが得られると予想されるか？

b　得られたサプレッサーは，すべてRNAポリメラーゼのαサブユニット遺伝子の変異株であった。この解析にもとづいて，どのような仮説が立てられるだろうか？

問19

次のような，*lac*オペロンにかかわる変異のうちの1つを生じた6つの大腸菌株が単離された。

i　*lacY*の欠損

ii　*lacO*^{c}変異

iii　*lacZ*のミスセンス変異

iv　*lac*オペロンの逆位（*lacI*遺伝子は逆位していない）

v　スーパーリプレッサー変異

vi　*lacZ*，*lacY*，*lacA*の逆位（*lacI*，*lacP*，*lacO*は逆位していない）

a　これらの変異のうち，ラクトースを利用できなくなるものはどれか。

b　これらの6つの大腸菌株から，*lac*オペロンの全長（*lacI*遺伝子とそのプロモーターを含む）を，アンピシリン耐性遺伝子を含むベクターを用いてクローニングした。部分2倍体を作製するため，各組換えプラスミドで6つの株を形質転換した。部分2倍体解析で，変異株1は*lacY*に変異をもつことがわかったので，この株は上の変異 i に相当する。これらの部分2倍体の中で，変異株1を相

補してラクトース利用できるようにすると予想される変異はどれか。

c　bの部分2倍体解析で，ラクトースを唯一の炭素源としたアンピシリン培地に各部分2倍体株を植えた（アンピシリンはプラスミド維持のため加えてある）。形質転換体の生育状況を下表に記録してある（＋は生育，－は生育せず）。βガラクトシダーゼとパーミアーゼの合成は，この培地で生育するのに必要である。この部分2倍体解析の結果をこの表に示した。どの変異株（1～6）にどの変化（ i ～vi）が生じたのだろうか？

	1	2	3	4	5	6
1	−	+	−	+	−	+
2	+	−	−	+	−	+
3	−	−	−	+	−	+
4	+	+	+	+	−	+
5	−	−	−	−	−	+
6	+	+	+	+	+	+

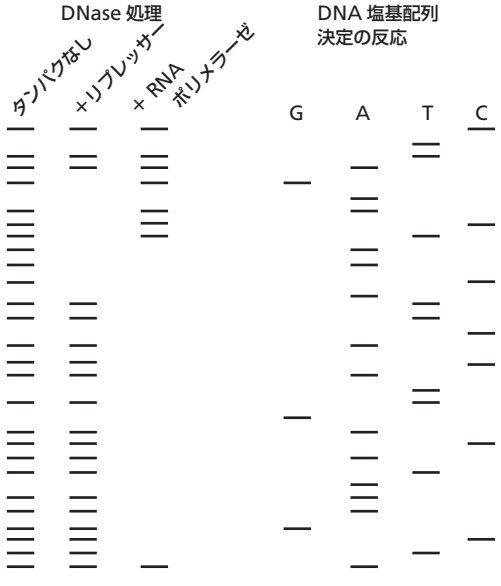
問20

次のデータはDNaseIフットプリント法のデータであり，標識したDNA断片にRNAポリメラーゼまたはリプレッサータンパクを加え，DNaseIで消化したものである。そのDNAについて塩基配列解析を行い，タンパクが結合して保護されている部分の塩基が明らかになった（DNaseIはDNA断片中のそれぞれの塩基を1つずつは切らないことに注意）。

a　この断片のDNA配列を書きなさい。

b　リプレッサーが結合する領域の配列を示しなさい。

c　RNAポリメラーゼが結合する領域の配列を示しなさい。



問21

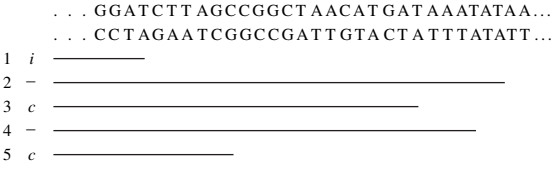
a　最初の*lac*オペロンの恒常的オペレーター変異はすべて，O_1で塩基が変化していた。なぜこのスクリーニングでO_2やO_3の変異が見つからなかったのだろうか？

b　小さな断片が挿入されるような変異源がO^c変異をつくり出す仕組みを説明しなさい。

c　bのO^c変異はlacI^{s}感受性であるか？ その理由も述べなさい。

問22

負に制御される遺伝子のオペレーター部位の場所を決定するにあたって，制御領域の欠失変異を一通り作製した。それぞれの欠失の範囲は塩基配列の下線で表していて，そのオペロンからの発現結果も示している（*i*＝誘導できる，*c*＝恒常的発現，－＝発現せず）。



a　オペレーター部位の位置について，このデータから結論できることは何か？

b　なぜ欠失2と4は発現しないのか？

問23

融合オペロンは，制御領域をオペロンの遺伝子のコード領域の隣りに配してクローニングしたものからなる。融合遺伝子は，*lacZ*などの遺伝子の制御領域やβガラクトシダーゼの最初のアミノ酸をコードするDNAを他の遺伝子のコード領域の隣りに配してクローニングしたものからなる。融合オペロンには必要でないが，機能的な融合遺伝子をつくるためには考慮しなくてはならない特徴は何か？

17.3

問24

a　*trp*オペロンの1つの転写産物から*trpE*と*trpC*を翻訳するのには，最低いくつのリボソームが必要か？

b　*trpE*と*trpC*の発現に影響を及ぼすようなリーダーRNA内の2つのトリプトファンコドンの欠損をどうやって予測したらよいか？

問25

次の配列はネズミチフス菌（*Salmonella typhimurium*）の*his*オペロンmRNAのリーダー領域である。培地中のヒス

チジンが制限されたとき（とても少なくしたとき），この配列の中でリボソームを一時停止させる塩基はどれか？

5′ AUGACACGCGUUCAAUUUAAACACCACCAUCAUCACCAUCA
UCCUGACUAGUCUUUCAGGC 3′

問26

次の大腸菌株について，トリプトファンのあるときとないときとで *trpE* と *trpC* の発現に遺伝子型が与える影響を示しなさい。ただし，野生型（R^+ P^+ O^+ att^+ $trpE^+$ $trpC^+$）では *trpE* と *trpC* はトリプトファン存在下で完全に抑制され，トリプトファン非存在下では誘導される。

R＝リプレッサー遺伝子，R^n 産物はトリプトファンに結合できない，R^- 産物はオペレーターに結合できない。

O＝オペレーター：O^- はリプレッサーに結合できない。

att＝減衰配列：att^- は減衰の欠損である。

P＝プロモーター：P^- は *trp* オペロンプロモーターの欠損である。

$trpE^-$ と $trpC^-$ はナル（活性欠如型）変異である。

a　R^+ P^- O^+ att^+ $trpE^+$ $trpC^+$

b　R^- P^+ O^+ att^+ $trpE^+$ $trpC^+$

c　R^n P^+ O^+ att^+ $trpE^+$ $trpC^+$

d　R^- P^+ O^+ att^- $trpE^+$ $trpC^+$

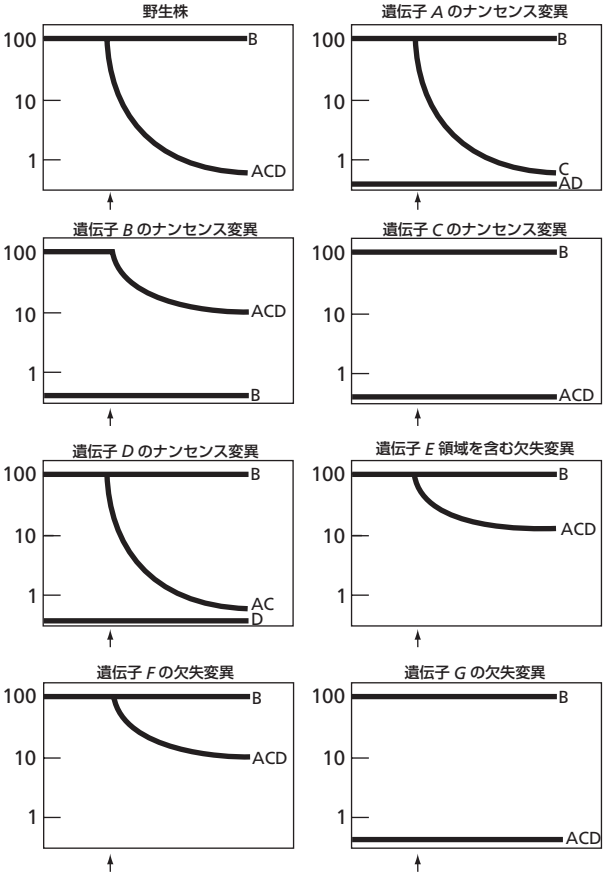
e　R^+ P^+ O^- att^+ $trpE^+$ $trpC^-$ / R^- P^+ O^+ att^+ $trpE^-$ $trpC^+$

f　R^+ P^- O^+ att^+ $trpE^+$ $trpC^-$ / R^- P^+ O^+ att^+ $trpE^-$ $trpC^+$

g　R^+ P^+ O^- att^- $trpE^+$ $trpC^-$ / R^- P^+ O^- att^+ $trpE^-$ $trpC^+$

問27

ある分子遺伝学者が，細菌の野生株と変異株が最少培地に化合物Zを添加したあとに生産する4つの構造遺伝子（*A*，*B*，*C*，*D*）産物の量を測定してオペロンの研究を行っている。さらなるタンパク（E）は小さすぎて（20アミノ酸以下），他のタンパクと同じ方法で測定することができない。いくつかの変異はナンセンス変異であり，オペロン内でそれらのあとに転写される遺伝子に影響を及ぼす。その変異があると遺伝子の翻訳が止まることに加え，これらのいわゆる**ナンセンス極性変異**は，その下流にある遺伝子の発現も阻害する（例えば *lac* オペロンでは，いくつかの *lacZ* ナンセンス変異により *lacY* と *lacA* が発現しなくなる）。研究者は他の2ヵ所，*A*–*D* に密接にリンクした *F* と *G* という部位の変異も取得した。次のグラフはすべて片対数で示してある。特定のタンパクについて，最大限可能な発現量をパーセントでy軸にプロットし，時間をx軸にプロットした。化合物Zは矢印で指定した時点で添加した。



a　このオペロンは生合成あるいは分解の経路に関与するだろうか？また，誘導あるいは抑制されるだろうか？

b　グラフに示したそれぞれの条件下で，*A*～*D* 遺伝子が恒常的か，完全に抑制されるか，部分的に抑制されるか，発現しないかを述べよ。

c　このオペロンの地図を作成せよ。*A*，*B*，*C*，*D*，*E* 遺伝子と部位 *F* と *G* の相対的位置を示しなさい。すべての遺伝子と部位について可能性のある機能を列挙しなさい。ただし，可能性のある機能とは，プロモーター，オペレーター，酵素構造遺伝子，CRP結合部位，*crp* 遺伝子，減衰領域で，これらのすべてが含まれている必要はない。

問28

問27で，細菌のオペロンにおける極性変異の考えにふれた。オペロンのプロモーターのより近くにある“近位”の遺伝子に生じたナンセンス変異によって，同じオペロン内にあってプロモーターから遠く離れた“遠位”の遺伝子が発現しなくなる。基本的にすべての極性変異はナンセンス変異であり，ミスセンス変異にこういった性質はない。

a　ナンセンス変異は極性を示すがミスセンス変異は極性を示さない理由を説明するモデルを示しなさい。

b　面白いことに，tRNA遺伝子に極性変異とナンセンスサプレッサー変異をあわせもつ株では，ナンセンス変異が生じた遺伝子とオペロンの遠位にある遺伝子の発現が復活しうる。しかし，ρ転写終結因子をコードする遺伝子に極性変異と活性欠如型変異が同時に生じると，遠位の遺伝子の発現は復活するが，ナンセンス変異を生じた遺伝子の発現は復活しない。これらの結果は極性の根本的な原因のモデルにどのように影響するか？

17.4

問29

DNA損傷によって発現が始まるたくさんの遺伝子が単離されてきた。*lexA*遺伝子に活性欠如型変異が生じると，DNA損傷が起こっていないときでも，これらの遺伝子の多くが発現する。LexAタンパクは正・負どちらの制御因子だろうか？ その理由も述べなさい。

問30

2005年にフレデリック・ブラットナー（Frederick Blattner）らは，大腸菌がもっとよい炭素源を“あさる”ための包括的な転写プログラムをもつことを見つけた。細菌の運動性に必要な遺伝子を含む多くの遺伝子は炭素源の少ない環境に応答して発現を始めるので，細菌はよりよい栄養素を探せるようになる。この応答を制御する遺伝子を探すとすると，その制御遺伝子の同定を試みるためには，どのように*lacZ*融合体を利用したらよいか？

問31

浸透圧（溶液中の溶質の濃度）の変化に応答して発現したり，発現を停止したりする遺伝子を見つけるため，高浸透圧の培地と低浸透圧の培地を使って大腸菌を培養した。これからDNAマイクロアレイ解析をしたい。

a　このDNAアレイ解析に何をプローブとして用いるとよいか？

b　DNAアレイ上にどんな核酸をスポットすればよいか？ DNAアレイにはいくつのスポットが必要か？

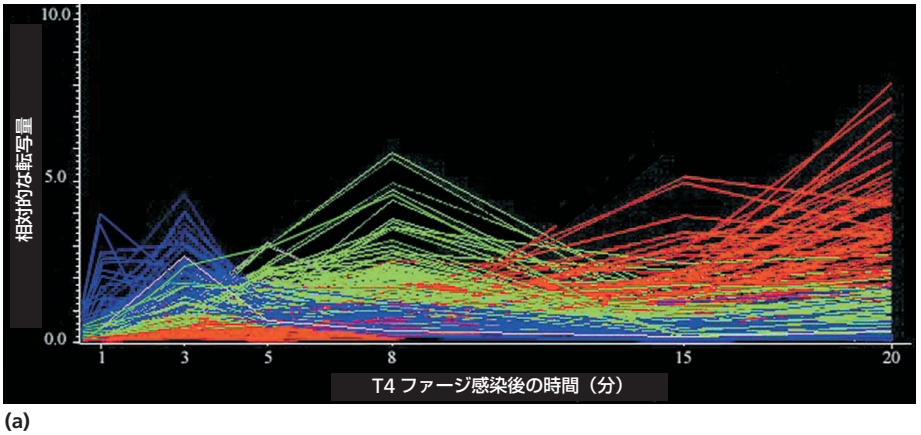
c　浸透圧の変化が他のストレス（例えば熱ショック）で引き起こされるような一般的なストレス応答を誘導するだろうか？ また，一般的なストレスにかかわる遺伝子と浸透圧変化特異的にかかわる遺伝子をどうやって見分けたらよいか？

問32

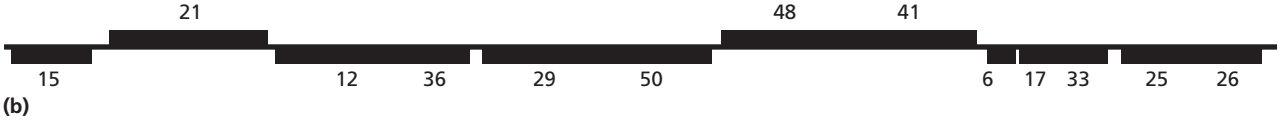
図aは，バクテリオファージT4の全遺伝子のmRNA相対量を，大腸菌に感染後の時間の関数として測定した最近のマイクロアレイの結果を示したものである。遺伝子は，ほとんどが感染してすぐに転写される初期遺伝子（青色），いくらか後に転写される中期遺伝子（緑色），もっと後になって転写される後期遺伝子（赤色）という3つの主要なクラスに分けることができる。図bは，T4ファージの170 kbのゲノムのうちの10 kbを描いたものであり，いくつかの遺伝子の範囲を示しており，それぞれ数字で示され，同じ色の方法でクラス分けされている。黒色の線の上の色のついた配列は左から右へと転写される遺伝子を示し，線の下の配列は反対方向に転写される遺伝子を示している。

a　図bの10 kbの中でプロモーターは最小でいくつあるか？また，どの遺伝子が同じオペロンの一部として転写されうるか？

b　バクテリオファージT4の*e*遺伝子はエンドリシンと呼ばれる酵素をコードしており，宿主の大腸菌細胞を溶か



(a)



(b)

して子のバクテリオファージ粒子が放出されるのに役立つ。*e*遺伝子は初期，中期，後期のどのクラスの遺伝子だと考えられるか？ その理由も述べなさい。

問33

いくつかのT4遺伝子は，問32と図a，bでとりあげたバクテリオファージT4の増殖サイクルの制御に携わっている。*motA*遺伝子の産物は中期遺伝子のプロモーター近くのDNAに結合するタンパクであり，大腸菌のRNAポリメラーゼのコア酵素がこれらのプロモーターを認識できるようにする。*asiA*遺伝子は“抗σ因子”をコードし，大腸菌のσ^{70}と結合してその機能を破壊する。*regA*遺伝子がコードするタンパクは初期mRNAを特異的に壊すリボヌクレアーゼである。T4の*55*遺伝子の産物はσ因子であり，大腸菌のRNAポリメラーゼのコア酵素が後期プロモーターを認識するのに必要である。

a　上の遺伝子（*motA*，*asiA*，*regA*，*55*）のうち，どれが初期，中期，後期の遺伝子であると考えられるか？

b　T4遺伝子のどのクラス（初期，中期，後期）が大腸菌のσ^{70}RNAポリメラーゼコア酵素によるプロモーター認識に必要か？

c　T4感染が進行しているとき，宿主である大腸菌のゲノムでは遺伝子の転写に何が起こっているか？

d　*motA*，*asiA*，*55*遺伝子の活性欠如型変異により初期，中期，後期のmRNAの転写，宿主大腸菌の遺伝子のmRNAにどのような結果がもたらされるか予測しなさい。

e　RegAリボヌクレアーゼの機能により，図aのどんな状況が説明されるか？